

68. Öffentliche Hochschultagung am 1. Februar 2018
“Landwirtschaft und Ernährung im Spannungsfeld zwischen
Umwelt, Gesellschaft und Politik“

Genome editing bei Nutzpflanzen – wissenschaftliche und rechtliche Aspekte

Prof. Dr. Christian Jung, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Unter genome editing versteht man heute die präzise Veränderung von Genen (eigentlich gene editing) mit Hilfe ortsspezifischer Nukleasen. Nachdem in den letzten zehn Jahren dazu eine Reihe von Techniken entwickelt worden waren, hat sich seit 2012 die CRISPR/Cas-Technologie durchgesetzt. Dabei handelt es sich um die Adaption eines bakteriellen Schutzsystems gegenüber Bakteriophagen, welches durch gentechnische Veränderungen soweit modifiziert wurde, dass damit jede beliebige Sequenz in komplexen Eukaryoten-Genomen modifiziert werden kann. Dazu wird in silico mit Hilfe der vorliegenden Referenz-Genomsequenzen eine 20 Basenpaar lange Zielsequenz ausgesucht. Diese befindet sich im zu verändernden Gen. Diese Zielsequenz wird als DNA-Konstrukt zusammen mit der Cas-kodierenden Sequenz in Pflanzenzellen eingefügt. Details können aufgrund der Kürze der Zeit nicht genannt werden, jedoch liegen zahlreiche Review-Artikel zu diesem Thema vor. Entsprechende Referenzen werden im Vortrag genannt.

Die Cas-Nuklease schneidet die Zielsequenz präzise an einer ganz bestimmten Stelle, so dass ein Doppelstrangbruch entsteht. Dieser wird durch das eukaryotische Reparatursystem sofort geschlossen. Dabei kann es zu Fehlern kommen, die sich in dem Verlust einer oder weniger Nukleotide manifestiert. Durch diesen Verlust kommt es in zwei Drittel der Fälle zum Ausfall der Genfunktion (gene knockout). Mit Hilfe eines alternativen Reparatursystems (homologous recombination) können auch beliebige neue Sequenzen in den Doppelstrangbruch eingeführt werden. Dies eröffnet die Möglichkeit, Gene in größerem Stil zu verändern oder fremde Sequenzen in das Genom einzuführen.

Beim genome editing handelt es sich um ein gentechnisches Verfahren. Die daraus entstehenden Pflanzen sind jedoch nach bestehender Rechtslage nicht gentechnisch verändert, so lange es sich um Mutationen mit einer Länge von 20 Nukleotiden handelt. So lautet eine Empfehlung der zentralen Kommission für biologische Sicherheit, die am zuständigen Bundesinstitut für Lebensmittelsicherheit und Verbraucherschutz angesiedelt ist. Eine ähnliche Definition haben sich inzwischen auch die zuständigen Behörden in Nordamerika zu eigen gemacht. In Europa und in Deutschland gibt es jedoch bisher keine rechtsverbindliche Einstufung von Pflanzen, die mittels genome editing verändert worden sind. Zur Zeit steht ein Urteil des Europäischen Gerichtshofes an, in dem geklärt werden soll, ob es sich bei diesen Pflanzen um gentechnisch veränderte Organismen handelt. Diese Einstufung wird von zentraler Bedeutung für die Nutzung von CRISPR/Cas für die Pflanzenzüchtung sein. Denn die Methode wird nur in der europäischen Züchtung eingesetzt werden können, wenn die Pflanzen nicht als GVO eingestuft werden. Dies wäre auch absurd, weil die Mutation zwar in jedem Fall nachweisbar wäre, aber nie von spontanen, also natürlich vorkommenden Mutationen zu unterscheiden wäre. Diese treten jederzeit in jeder Zelle eines Organismus auf. Aus diesem Grund ist die 20 Basenpaar-Grenze wissenschaftlich begründet und sachlich gerechtfertigt.

Die wissenschaftliche Literatur verzeichnet in letzter Zeit eine wahre Explosion an CRISPR/Cas-Artikeln. Alle relevanten Nutzpflanzen sind bisher Ziel der CRISPR/Cas-Mutagenese gewesen. Dabei wurden züchterisch wichtige Eigenschaften wie Dürretoleranz, Krankheit- und Stressresistenz sowie Herbizidtoleranz gezielt verändert. Einige Beispiele werden im Vortrag näher erläutert. Es ist absehbar, dass entsprechende Sorten demnächst auf den Markt kommen werden. Ob dies auch in Europa der Fall sein wird, hängt von der politischen Entscheidung ab. Klar ist aber, dass Produkte dieser Sorten in den Welthandel gelangen werden und somit auch in Europa konsumiert werden. Diese werden sich aber niemals von Pflanzen unterscheiden lassen, die durch natürliche oder induzierte Mutagenese entstanden sind.